¿Los humanos y los chimpancés son idénticos en un 99,4%... o no?

Timothy G. Standish

¿Son esencialmente idénticos los humanos y los simios? La respuesta dependerá en gran medida de las presuposiciones filosóficas que se incorporen al análisis de los datos.

Hace poco en mi barrio aparecieron anuncios que declaraban que los humanos y los chimpancés son idénticos en un 98%.[1] Desconozco cuánto éxito tuvo este anuncio que buscaba llamar la atención de potenciales visitantes a la exposición de simios; pero sé que impresionó a mi hija que cursa el séptimo grado. Cuando las campañas publicitarias utilizan estadísticas muy precisas, suelen quedar registradas en las mentes de todos. Pero, ¿de dónde salen? ¿Qué significan realmente?

Un análisis superficial de los porcentajes que se publican acerca de la similitud entre el genoma humano y el del chimpancé rápidamente revela que cualquier precisión es ilusoria. La cifra 98%[2] o 99,4% –que también ha sido publicada– suena más precisa y parece demostrar que los humanos y los chimpancés son aún mas similares.[3] Un estudio que comparó fragmentos de los genomas humano y del chimpancé insinuó que son idénticos en un 98,77%.[4] Por otro lado, algunas de las primeras comparaciones que se hicieron arrojaron un 95% de similitud.[5]

Cuando se publicó la copia borrador del genoma del chimpancé (2005)[6] la conclusión fue que los genomas humano y del chimpancé son similares en un 96%. A pesar del hecho que este cálculo aproximado es bastante más bajo que la mayoría de los anteriores, este nuevo número impulsó al científico Frans de Waal, especialista en primates de la Universidad Emory, a declarar: "Darwin no fue solamente controversial al decir que descendemos de los simios, sino que no fue lo suficientemente lejos… somos simios desde nuestros brazos largos y cuerpos sin colas hasta nuestros hábitos y temperamento".[7]

Por supuesto que Darwin *sí* fue bastante lejos si consideramos que no contaba con tecnología de secuenciación de ADN. La mantra frecuentemente repetida de que él nunca dijo que los humanos descienden de los simios no es correcta.[8] En su libro *El origen del hombre*, Darwin dedica todo el capítulo 6 a desarrollar la premisa que los humanos son simios y por lo tanto, descienden de un ancestro común de todos los simios, que fue un simio. Uno de los mayores partidarios de Darwin, Thomas Henry Huxley, presentó este argumento en forma impresa en 1863,[9] apenas cuatro años después de la publicación del libro de Darwin y bastante antes que Darwin publicase *El origen del hombre*.

Dentro del marco del pensamiento darwinista, las similitudes entre los organismos, referidas como homologías, son presentadas como evidencia de un origen ancestral común. Por ello, se postula que dos organismos que comparten más características que un tercer organismo, tienen un ancestro común más reciente que cualquiera de estos dos, con una tercera criatura. Por ejemplo, tanto las ranas como las vacas tienen ojos que registran las imágenes como si fueran una cámara fotográfica, cuatro patas y muchas otras características en común. Los gusanos carecen de estos rasgos, por lo tanto, de acuerdo al pensamiento darwinista, las ranas y las vacas tienen un ancestro común más reciente que cualquiera de ellos con respecto a los gusanos. Cuando se analiza la secuencia de ADN, se aplica la misma lógica. Del momento que se descubre que hay más similitud entre el ADN de los chimpancés y los humanos que con el de otros organismos, se toma esto como una confirmación de las ideas de Darwin. Pero el ADN tiene un factor extra intrínsecamente relacionado con el hecho de que el material genético se transmite de padres a hijos.

Vista desde la perspectiva creacionista, la similitud entre el ADN humano y del chimpancé no resulta para nada llamativa. De todos los animales, los chimpancés y gorilas son los que más se parecen a los humanos. Sería ilógico que el Creador hubiese ideado un código totalmente diferente para el chimpancé; es como imaginar que aunque un Toyota Camry y un Corolla son muy similares, los componentes relacionados a la ingeniería fuesen completamente diferentes. Los simios tienen un aspecto más similar a los humanos que las vacas, porque entre otras cosas, su ADN es más similar al de los humanos. Por lo tanto, aunque las similitudes en las secuencias de ADN parecen concordar con lo que los creacionistas y evolucionistas esperan encontrar, algunos

actúan como si esto fuese una confirmación del pensamiento darwinista y una refutación del creacionismo.

Figura 1

Secuencia 1:
Beta-globina humana (Hb A)

ATGGTGCATC TGACTCCTG**A** GGAGAAGTCT
GCCGTTACTG CCCTGTGGGG CAAGGTGAAC
GTGGATGAAG TTGGTGGTGA GGCCCTGGGC
AGGCTGCTGG TGGTCTACCC TTGGACCCAG
AGGTTCTTTG AGTCCTTTGG GGATCTGTCC
ACTCCTGATG CTGTTATGGG CAACCCTAAG
GTGAAGGCTC ATGGCAAGAA AGTGCTCGGT
GCCTTTAGTG ATGGCCTGGC TCACCTGGAC
AACCTCAAGG GCACCTTTGC CACACTGAGT
GAGCTGCACT GTGACAAGCT GCACGTGGAT
CCTGAGAACT TCAGGCTCCT GGGCAACGTG
CTGGTCTGTG TGCTGGCCCA TCACTTTGGC
AAAGAATTCA CCCCACCAGT GCAGGCTGCC
TATCAGAAAG TGGTGGCTGG TGTGGCTAAT
GCCCTGGCCC ACAAGTATCA CTAA

Secuencia 2:
Beta-globina humana S (Hb S)

ATGGTGCATC TGACTCCTG**T** GGAGAAGTCT
GCCGTTACTG CCCTGTGGGG CAAGGTGAAC
GTGGATGAAG TTGGTGGTGA GGCCCTGGGC
AGGCTGCTGG TGGTCTACCC TTGGACCCAG
AGGTTCTTTG AGTCCTTTGG GGATCTGTCC
ACTCCTGATG CTGTTATGGG CAACCCTAAG
GTGAAGGCTC ATGGCAAGAA AGTGCTCGGT
GCCTTTAGTG ATGGCCTGGC TCACCTGGAC
AACCTCAAGG GCACCTTTGC CACACTGAGT
GAGCTGCACT GTGACAAGCT GCACGTGGAT
CCTGAGAACT TCAGGCTCCT GGGCAACGTG
CTGGTCTGTG TGCTGGCCCA TCACTTTGGC
AAAGAATTCA CCCCACCAGT GCAGGCTGCC
TATCAGAAAG TGGTGGCTGG TGTGGCTAAT
GCCCTGGCCC ACAAGTATCA CTAA

Cómo surgieron las diferencias entre los genomas

Una pregunta mucho más interesante, que la creación contesta rápidamente y el darwinismo intenta explicar, es cómo surgieron las diferencias entre el genoma humano y el del chimpancé. Para entenderlo, es necesario saber que existen distintas clases de diferencias entre dos genomas. El cuadro adjunto resume algunas. Aunque las analogías con el idioma no son perfectas, existen suficientes similitudes en la manera en que el ADN codifica la información y la forma en que las letras codifican información en el lenguaje. Por lo tanto, es posible usar el idioma para ilustrar los problemas inherentes de decidir cuán similar son dos secuencias de ADN. Recordemos que el ADN está compuesto de "letras" moleculares llamadas bases. A diferencia de otros alfabetos, el "lenguaje" del ADN consta únicamente de cuatro letras, que se abrevian como A, T, G y C. Ahora imaginemos dos secuencias de ADN

1- GAATGC;

2- TAATGA.

Hay un total de seis letras en cada secuencia; 1 y 2 difieren únicamente en dos bases, la primera y la última de cada secuencia. Si solo se comparasen las letras en común, estas secuencias serían 2/3 idénticas, o sea que tendrían una similitud del 67%. Un ejemplo similar en nuestro idioma serían las palabras "ser" y "ver". Si analizamos las letras, estas dos palabras son idénticas en un 67%, pero sus significados son completamente diferentes. En el ejemplo del ADN presentado, si ambas secuencias fuesen parte de un gen que codifica una proteína, ellas tendrían significados completamente diferentes. Cuando el ADN codifica para una proteína las "palabras" se llaman "codones" y están compuestos por tres bases. Cada codón codifica para un aminoácido. Las proteínas son secuencias de aminoácidos que se han unido. En este caso, el codón GAA de la secuencia 1 indica que en esta posición debe incorporarse el aminoácido ácido glutámico (glutamato) y el codón TGC[10] codifica un aminoácido llamado cisteína. Los codones en la segunda secuencia, TAA y TGA, que difieren en una base cada uno respecto a la secuencia 1, tienen significado completamente distinto. De hecho, ninguno de estos dos codones codifica para un aminoácido. Ambos son los llamados codón de terminación, dado que actúan como puntos al final de una oración en el lenguaje del ADN. Señalan en qué lugar el ADN termina de codificar para una proteína.

La esencia de lo recién explicado es que cambios relativamente insignificantes en el ADN pueden resultar en grandes diferencias. Esto es algo en común entre las secuencias de ADN y el deletreo de las palabras de un idioma. A veces, apenas mover una letra a una posición diferente puede resultar en una diferencia notable. En el ADN, los codones GGT y TGG codifican ambos para un aminoácido. Pero el primero codifica para el aminoácido más simple, glicina, mientras que el segundo codifica para triptófano, que es uno de los aminoácidos más grandes y complejos. Un ejemplo sería ubicar la letra c de "creación" en otro lugar, con lo que obtendríamos "reacción".

Veamos un ejemplo de dos secuencias de ADN que difieren en menos del 1% pero producen dos proteínas muy diferentes:

En cada una de estas secuencias hay 444 bases y existe apenas una base de diferencia entre ambas (la 20ª).[11] Por lo tanto la diferencia entre estas secuencias es de apenas un 0,225% y las mismas son idénticas en un 99,775%. Sin embargo, la primera codifica para una proteína presente en la hemoglobina normal, mientras que la segunda secuencia codifica una proteína anormal que produce anemia falciforme o drepanocítica, una enfermedad genética devastadora.[12] La diferencia a nivel del ADN de apenas 0,225% se traduce a una diferencia del 0,676% a nivel de la proteína, pero este pequeño cambio lleva a una enfermedad grave. No todos los cambios de esta magnitud tienen un impacto tan marcado, pero sirve para mostrar que pequeños cambios en la secuencia

del ADN pueden, y de hecho llevan, a diferencias notorias en un organismo.

¿Dos secuencias son iguales o diferentes?

¿Cómo decidir que dos secuencias son prácticamente idénticas o totalmente diferentes? Obviamente, analizar las letras en forma individual no va a ser útil para determinar si dos documentos son iguales o diferentes. Como ejemplo digamos que tanto en la Biblia como en el libro *El origen de las especies* se usan las mismas letras del alfabeto para transmitir la información. Al comparar libros, muchas o incluso todas las palabras que se utilizan pueden ser las mismas, pero los libros son definidamente diferentes. Al comparar organismos, los codones utilizados para codificar las proteínas pueden ser iguales, pero los organismos son diferentes. Está claro que un factor importante a tener en cuenta cuando se comparan secuencias de ADN es la longitud de la secuencia que está siendo comparada. Otro factor es la manera en que está codificada la información para fabricar proteínas. Aunque generalmente se asocia al ADN con el concepto de codificar proteínas, esto no es del todo cierto. Apenas aproximadamente un 3% del ADN humano contiene información codificada para fabricar proteínas. En el pasado, el 97% restante era considerado como desecho o residuo del proceso evolutivo, sin ningún tipo de función, por lo que se lo consideraba como "ADN chatarra". Recientemente ha quedado claro que gran parte de este ADN no codificante regula la producción de proteínas por parte de las regiones codificantes para proteínas, mientras que otros sectores están involucrados en otras actividades adicionales que son vitales.[13]

En los genomas humano y del chimpancé, gran parte de este ADN no codificante forma parte de secuencias que se repiten. Es difícil evaluar la importancia de estas secuencias repetidas, e incluso poder evaluarlas, dado que representan un reto para las técnicas de secuenciación modernas. Por ello, aunque se dice que el genoma humano ha sido descifrado en su totalidad, el mismo no ha sido completamente decodificado. Dado que se consideraba que las secuencias repetidas no eran importantes, han sido ignoradas. Por ejemplo, en los estudios en que se afirma que existe un 98% de similitud entre el ADN humano y del chimpancé, el ADN repetitivo fue eliminado antes de realizar la comparación.[14] Esto es similar a eliminar las palabras utilizadas con más frecuencia en el texto de dos libros que se quieren comparar,[15] algo que podría sesgar el resultado de cualquier comparación estadística.

Un factor adicional que complica la comparación de los genomas de dos organismos diferentes es que aparentemente las diferencias se concentran en áreas específicas de sus genomas, por lo que no están distribuidas aleatoriamente. Por ejemplo, los genomas humano y del chimpancé presentan tanta variación en cuanto a la diferencia que existe entre segmentos análogos, que se ha lanzado la información de que los dos organismos evolucionaron en especies separadas durante varios millones de años antes de volver a juntarse hace aproximadamente 6,3 millones de años,[16] para luego volver a separarse.[17] Esta variación en la magnitud de la diferencia observable en la secuencia no se da únicamente a nivel del ADN, sino también en genes específicos que codifican proteínas específicas. Por ejemplo, varios genes que son claves para el desarrollo del sistema nervioso son, como es de esperar, más diferentes que la diferencia promedio entre los genes de humanos y chimpancés. Los darwinistas argumentan que se debe a la "selección positiva" de estos genes[18] pero no clarifican por qué la selección ocurrió solo en los genes relacionados con la inteligencia humana. Es difícil imaginar que la inteligencia solo se puede adaptar en los humanos y sus ancestros. Pero estas variaciones en el grado de diferencia entre distintos segmentos del ADN no se restringen a genes individuales o partes de cromosomas. Es llamativa la poca diferencia entre los cromosomas X humano y del chimpancé en comparación a las diferencias entre los otros cromosomas. No es del todo claro cómo la selección natural lograría esto, por lo que es necesaria alguna historia medio tergiversada para lograr que los hechos concuerden con la suposición darwinista.

El papel de las proteínas en los seres vivos

Existe otra diferencia marcada entre las formas en que los genomas humano y del chimpancé desarrollan su actividad, y este punto puede tener el mayor impacto a la hora de explicar por qué no producen organismos esencialmente idénticos. Para entender esto es necesario reconsiderar mínimamente algunos conceptos relacionados al papel de las proteínas en los seres vivos. El ADN codifica proteínas utilizando prácticamente el mismo tipo de especificaciones que se utilizan para decidir qué tipo de tornillo, u otra pieza, se debe utilizar en una máquina. Muchas piezas pueden ser combinadas en diversas formas para fabricar distintos tipos de máquinas. Por ejemplo, si se pierde el tornillo con cabeza tipo ranura que unía el par de cuchillas de una tijera, podría ser posible reemplazarlo con un tornillo que tuviese en su cabeza un agujero hexagonal para llave Allen. A la inversa, puede ser posible tomar las mismas piezas, o algunas muy similares a las que se encuentran en una máquina y combinarlas de tal manera que producirían un artefacto bien diferente

¿Qué sentido tiene todo esto cuando analizamos específicamente el genoma humano y el del chimpancé? Aunque estemos tentados a pensar que las diferencias entre los humanos y los chimpancés son el resultado de la diferencia en sus respetivas proteínas, en

realidad las diferencias probablemente son resultado de la manera en que se ensamblan las partes de las proteínas. Esto es lo que aparentemente ocurre cuando se producen proteínas individuales a partir de la información que se encuentra en los genomas de humanos y chimpancés. Los genes se expresan en formas muy variadas y estas diferencias de expresión de los genes parecerían surgir por las diferencias en un subconjunto de proteínas denominadas "factores de transcripción".[19] No debería llamarnos la atención que los darwinistas atribuyan estas diferencias a la "selección positiva".

No solo se puede observar que las proteínas se combinan de distintas maneras para fabricar todo tipo de criaturas, sino que, cuando analizamos los chimpancés y los humanos, se observa una diferencia interesante en la forma en que sus genomas están ensamblados. Por ejemplo, durante la reproducción sexual, el ADN de ambos padres se reorganiza en forma similar a un mazo de cartas para crear cromosomas únicos que irán en los espermatozoides y óvulos, y eventualmente en el descendiente de esta pareja. Cuando esto sucede, el ADN debe ser físicamente roto para luego volver a ser unido. Este proceso es complejo y no sucede al azar en cualquier punto. El lugar donde ocurren los cortes y nuevas combinaciones (recombinaciones) es diferente en los cromosomas de chimpancé y humanos.[20]

¿Son esencialmente idénticos los humanos y los simios? La respuesta dependerá en gran medida de las presuposiciones filosóficas que se incorporan al análisis de los datos. He querido mostrar que el porcentaje de diferencias que se cita no es tan preciso como lo que aparenta ser y además, dependiendo del sitio que se analice en los respectivos genomas se podrá obtener una gran diferencia en las conclusiones. Finalmente, la forma en la que la información codificada en el ADN se traduce para producir proteínas –y en última instancia, criaturas vivientes– es muy diferente entre humanos y simios. Es posible tener argumentos de peso si se enfatizan las numerosas diferencias entre el ADN de humanos y chimpancés. Adicionalmente, vale la pena recordar que a medida que se publica más información relacionada a la comparación de los genomas, las diferencias parecen ser más profundas de lo que se pensaba incluso hace pocos años. Por otro lado, sería ridículo sugerir que los chimpancés no son más similares a los humanos que las ranas, pescados o moscas. En realidad, la gran pregunta es ¿qué conclusión deberíamos sacar de las similitudes y diferencias?

Existe un punto más a tener en cuenta por quienes quieren establecer conclusiones radicales. Se trata de la forma alarmante en la que en el pasado, tanto defensores del darwinismo como del creacionismo, han usado informaciones al momento de argumentar a favor de una postura. En nuestra propia iglesia, hay una serie de declaraciones publicadas que probablemente no contribuyeron ni siquiera en su momento, y que hoy resultan inquietantes. Por ejemplo, Uriah Smith alegó en un artículo de la *Review and Herald*: "los naturalistas declaran que la línea de demarcación entre las razas humanas y animales se pierde en confusión. Esto es imposible, dado que ellos dicen saber en qué punto exacto termina lo humano y comienza lo animal".[21] Esta línea de pensamiento también se ve en declaraciones de Dores Robinson, secretaria de Elena White, que escribió: "Cualquiera que observe un chimpancé, un gorila o un orangután, no tendría mayor dificultad en creer que tienen un ancestro común con la raza humana… Es mucho más razonable creer que los simios descienden del hombre…"[22]

Un darwinista insiste en que sería útil que se incorporase una buena dosis de "realidad biológica" a través de la creación de quimeras, híbridos o clones interespecies.[23] De esta forma se podría hacer frente a los "fundamentalistas religiosos que ocupan la Casa Blanca y controlan el Congreso en un intento de distorsionar la enseñanza de las ciencias en nuestras escuelas" (refiriéndose a las instituciones educativas de los Estados Unidos). Este darwinista también ha publicado que nos encontramos en "días oscuros marcados por ideas antievolución basadas en falta de conocimiento".[24]

La Biblia es clara respecto al lugar especial que ocupa la humanidad en la creación. "Y creó Dios al hombre a su imagen, a imagen de Dios lo creó; varón y hembra los creó" (Génesis 1:27). Debido a su naturaleza innata y que por ahora "vemos… oscuramente" (1 Corintios 13:12), la ciencia no nos puede dar respuestas contundentes acerca de la naturaleza de la humanidad. Sus conclusiones son puramente tentativas y el resultado de los filtros filosóficos utilizados para analizar la información. Aun con esas limitaciones, es interesante que existe una tendencia clara que a medida que aumenta el conocimiento y la cantidad de información, las declaraciones atrevidas del pasado –que parecen ser inconsistentes con una comprensión bíblica tradicional– están siendo cuestionadas, a la par que posturas consistentes con ideas bíblicas parecen más sostenibles.

Timothy G. Standish (Ph.D., Universidad George Mason) es científico en el Instituto de Investigación de Geociencia, Loma Linda, California, U.S.A. E-mail: tstandish@llu.edu.

REFERENCIAS

1. Esta estadística se repite en muchas fuentes, incluyendo la página del zoológico de San Diego: http://www.sandiegozoo.org/animalbytes/t-chimpanzee.html.
2. Para otro ejemplo ver: J. Marks, *What It Means to Be 98% Chimpanzee: Apes, People, and Their Genes* (Berkeley: University of California Press, 2002), 325 pages.
3. D.E. Wildman, M. Uddin, G. Liu, L.I. Grossman, M. Goodman, "Implications of natural selection in shaping 99.4% nonsynonymous DNA identity

between humans and chimpanzees: Enlarging genus Homo," *Proceedings of the National Academy of Sciences* 100 (2003):7181-7188.
4. A. Fujiyama, A. Watanabe, A. Toyoda, I.D. Taylor, T. Itoh , S-F.Tsai, H-S. Park, M-L. Yaspo, H. Lehrach, Z. Chen, G. Fu, N. Saitou, K. Osoegawa, P.J. de Jong, Y. Suto, M. Hattori, Y. Sakaki1, "Construction and Analysis of a Human-Chimpanzee Comparative Clone Map," Science 295 (2000): 313-334.
5. R.J. Britten, "Divergence between samples of chimpanzee and human DNA sequences is 5% counting indwells," *Proceedings National Academy Science* 99 (2002): 13633-13635.
6. The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium, 2005, "Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome," *Nature,* 437:69-87.
7. Sitio de National Geographic News: http://news.nationalgeographic.com/news/2005/08/0831_050831_chimp_genes.html.
8. Como ejemplo ver el editorial de W. Allen, *National Geographic*, Noviembre 2004.
9. T.H. Huxley, *Evidence as to Man's Place in Nature,* 1863.
11. A fin de expresarse en forma consistente y para evitar confusión, nos referimos al ADN en este párrafo. Sin embargo, señalamos que, para que los codones puedan ser traducidos a proteínas, es necesario realizar copias del ADN usando como intermediario el ARN. Tómese nota que el ARN utiliza uracilo (U) en lugar de timina (T) y por lo tanto en el ARN este codón se leería como UGC y no TGC. Los codones en la copia de ARN de la secuencia 2 serían UAA y UGA y no TAA y TGA.
11. La proteína beta globina madura comienza con el aminoácido valina. El aminoácido que ha sido cambiado en la beta globina S es el sexto. En lugar de ácido glutámico, el aminoácido presente en la beta globina normal, contiene una valina. El primer aminoácido codificado por las secuencias aquí presentadas es metionina, pero este aminoácido es eliminado de la versión madura de la proteína.
12. Esta enfermedad es la anemia drepanocítica, que es más frecuente en personas que habitan en la región ecuatorial del África o son descendientes de ellos. En los individuos con anemia drepanocítica, los glóbulos rojos adoptan una morfología estirada debido a la polimerización de la hemoglobina cuando pierde el oxígeno. Estas células elongadas obstruyen los vasos sanguíneos y son destruídas rápidamente, por lo que se desarrolla un cuadro de anemia crónica y daños en los órganos.
13. T.G. Standish, "Rushing to judgment: Functionality in noncoding or 'junk' DNA," *Origins* 53:7-30.
14. C.G. Sibley, J.E. Ahlquist, "The phylogeny of the hominoid primates, as indicated by DNA-DNA hybridization," *Journal of Molecular Evolution* 20 (1984): 2-15. Ver también: Sibley y Ahlquist, "DNA hybridization evidence of hominoid phylogeny: Results from an expanded data set," *Journal of Molecular Evolution* 26: (1987): 99-121. Es importante mencionar que aunque el trabajo de Sibley y Ahlquist ha sido citado ampliamente y probablemente sea la fuente de la cifra del 98% de similitud, es controvertido, debido a acusaciones de supuesta manipulación de la información. Ver: http://personal.uncc.edu/jmarks/DNAHYB/dnahyb2.html.
15. Para comprender la magnitud de esto, vea el siguiente sitio http://corpus.rae.es/frec/1000_formas.TXT u otra fuente que presente las palabras más comúnmente usadas en español.
16. Estas cifras son las que se presentan en el artículo informando los resultados. Aquí están únicamente con el fin de ilustrar la idea que la vida existe hace millones de años, pero no significa una adhesión a esta postura.
17. N. Patterson, D.J. Richter, S. Gnerre, E.S. Lander, D. Reich, "Genetic evidence for complex speciation of humans and chimpanzees," *Nature* 441 (2006):1103-1108.
18. C. Ponting , A.P. Jackson, "Evolution of primary microcephaly genes and the enlargement of primate brains," *Current Opinion in Genetics & Development* 15 (2005): 241-248.
19. Y. Gilad, A. Oshlack, G.K. Smyth, T.P. Speed, K.P. White, "Expression profiling in primates reveals a rapid evolution of human transcription factors," *Nature* 440 (2006):242-245.
20. W. Winckler, S.R. Myers, D.J. Richter, R.C. Onofrio, G.J. McDonald, R.E. Bontrop, G.A.T. McVean, S. B. Gabriel, D. Reich, P. Donnelly, D. Altshuler, "Comparison of Fine-Scale Recombination Rates in Humans and Chimpanzees" *Science* 308 (2005):107-111.
21. Uriah Smith, "The Visions – Objections Answered: Obj. 37," *Advent Review and Sabbath Herald* 28(9) (31 de Julio, 1866): 65, 66.
22. D.E. Robinson, "Amalgamation Versus Evolution." Elmshaven, St. Helena, California. Documento White, ficha 316, Heritage Room, Universidad de Loma Linda.
23. Las quimeras son entidades interespecies, compuestas por una mezcla de ADN de dos o más organismos.
24. Por P. David y D.P. Barash, "When man mated monkey," *Los Angeles Times*, 17 de Julio, 2006. http://www.latimes.com/news/opinion/la-oe-barash17jul17,0,1775276.story?coll=la-opinion-rightrail.

Injusticia

Continuación de la página 16

and Chicago: The Bloch Publishing and Printing Co., 1888), p. 91.
9. Bunch, p. 90.
10. *Ibíd*, pp. 85-87.
11. Alfred Edersheim, *The Life and Times of Jesus the Messiah* (New York: Longmans, Green and Company, 1906), p. 309.
12. S. Mendelsohn, *The Criminal Jurisprudence of the Ancient Hebrews* (Baltimore: M. Curlander, 1891), p. 110.
13. Bunch, p. 64.
14. *Ibíd,* p. 67.
15. Véase Marcos 14:61-64.
16. Bunch, p. 93.
17. Chandler, t. 1, p. 280.
18. Bunch, p. 66.
19. *Ibíd,* p. 105.
20. Chandler, t. 2, p. 5.
21. Greenleaf, p. 565.
22. Dupin, p. 81-82, nota al pie: *Law 12, Code de Poenis.*
23. Chandler, t. 2, pp. 137-138.
24. Bunch, p. 159.
25. Giovanni Rosadi, *The Trial of Jesus* (New York: Dodds, Mead & Company, 1905), pp. 237-237, 288, 294.
26. Elena White, *El Deseado de todas las gentes,* p. 16.

¿Quiénes deberían...?

Continuación de la página 13

Referencias

1. D.F. Wright, "Theology," en *New Dictionary of Theology*, ed. S.B. Ferguson, D.F. Wright, and J.I. Packer (Downers Grove, Illinois: InterVarsity, 1988), p. 680.
2. S.W. Sykes, "Theology," en *The Westminster Dictionary of Christian Theology,* ed. Alan Richardson y John Bowden, (Filadelfia: Westminster, 1983), p. 567.
3. Werner G. Jeanrond, "Theological Method," en *A New Handbook of Christian Theology*, ed. Donald W. Musser and Joseph L. Price (Nashville, Tennessee: Abingdon, 1992), p. 486.
4. Andrew Linzey, "Theology," en *Dictionary of Ethics, Theology, and Society,* ed. Paul Barry Clarke and Andrew Linzey, (Nueva York: Routledge, 1996), p. 820.
5. *Íbid.*
6. Una posibilidad puede ser crear un pequeño cuerpo de eruditos y teólogos, y permitir que ellos tomen todas las decisiones teológicas importantes.
7. Cf. *Understanding Christian Theology*, ed. Charles R. Swindoll y Roy B. Zuck (Nashville, Tennessee: Thomas Nelson, 2003), 1136.
8. Richard Rice, "Theology as Topical Bible Study," *Spectrum* 29/2 (2001): 64.
9. Linzey, 820.
10. Cf. Jan Paulsen, "Heavenly Mission of Hope: Christ's Mission Is Our Mission," *Adventist Review*, September 24, 2009, 3.
11. Cf. Norman R. Gulley, *Systematic Theology: Prolegomena* (Berrien Springs, Michigan: Andrews University Press, 2003), 172-173.
12. *Íbid.* p. 173.
13. Roy Adams, "In a Time of Confusion," *Adventist Review*, November 2000, 19.
14. Roy Adams, "Grappling With Destiny," *Adventist Review*, April 25, 2002, 24.
15. No podemos estar de acuerdo con el pricipio *prima scriptura*, tal como lo sugiere Fritz Guy en *Thinking Theologically: Adventist Christianity and the Interpretation of Faith* (Berrien Springs, Michigan: Andrews University Press, 1999), p. 137, sino defender *sola scriptura* y *tota scriptura*. Las implicancias de la propuesta de Guy se hacen más evidentes en las pp. 144, 146.
16. Ángel Rodríguez, "Doing Theology in the Adventist Church: Role of the Theologian," artículo no publicado, Febrero 2003, 7.
17. Cf. Millard J. Erickson, *Christian Theology* (2d ed.; Grand Rapids, Michigan: Baker, 1998), 24.
18. Esto no debe ser confundido con el principio cristológico empleado, por ejemplo, por Martín Lutero.
19. Cf., Frank Hasel, "Theology and the Role of Reason," *Journal of the Adventist Theological Society*, 4/2 (1993): 172-198.
20. Cf. Rodríguez, 18.
21. Cf. Rodríguez, 15.